

## **PROGRAMME SANTE-ENVIRONNEMENT ET SANTE-TRAVAIL**

### **Biodiversité comparée des roboviroses à hantavirus. (Biodiversité des pathogènes et des réservoirs, Modélisation et cartographie des risques, Liens avec la géographie humaine)**

*Intervenant et coordinateur du projet : Jean-Pierre HUGOT, Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité, UMR 5202 du CNRS / USM 601, 55, rue Buffon, 75231 Paris cedex 05. [hugot@mnhn.fr](mailto:hugot@mnhn.fr)*

#### **Introduction**

L'idée fondatrice de ce projet était d'aborder l'étude de l'émergence des maladies en termes de dynamique d'évolution, de biodiversité et de distribution des agents pathogènes dans un contexte spatio-temporel connu. Les méthodes et les approches utilisées sont celles de la biologie de l'évolution : taxonomie, génétique, phylogénétique, écologie et modélisation. Cette approche transdisciplinaire étant appliquée à l'éco-épidémiologie comparée des hantaviruses (maladies transmises par des rongeurs), en Europe et en Asie. La partie européenne faisant déjà l'objet de plusieurs programmes et de financements, les moyens que nous avons demandés étaient destinés : à l'acquisition en Asie (Thaïlande) de données de terrain équivalentes à celles collectées en Europe. Au cours des discussions qui ont précédé la rédaction du projet, il a été décidé d'étudier en parallèle d'autres maladies transmises en Asie par des rongeurs : leptospirose, scrub typhus, typhus murin, en particulier.

Ce programme a permis de recruter pendant 20 mois un étudiant français, Vincent Herbreteau, dont la thèse de géographie humaine : « *Géographie des zoonoses en Thaïlande : de la distribution des rongeurs, vecteurs et hôtes, aux risques de transmission* » a été soutenue avec succès le 10 décembre 2007.

Le projet basé sur les concepts et méthodes de l'écologie évolutive s'est attaché à caractériser les processus vraisemblables qui contribuent aux patrons observés des assemblages hôtes-pathogènes, prenant en compte l'environnement (utilisation de l'imagerie satellitaire et de systèmes d'information géographique) et de l'histoire évolutive des espèces en interaction (utilisation de la génétique des populations, de l'épidémiologie moléculaire et de la phylogénétique des communautés).

#### **Rappels des principaux objectifs**

*Objectif 1.* Systématique, génétique des populations et distribution des rongeurs réservoirs ; diversité des hantavirus ; cophylogéographie des rongeurs et des virus.

- Révision de la taxonomie des Murinae de Thaïlande, à l'aide de données phénotypiques, morphométrique, cytogénétiques et moléculaires.
- Construction d'une clef de détermination de ces rongeurs.
- Constitution d'une collection de référence.

- Recherche et identification des pathogènes et parasites hébergés par ces rongeurs.

*Objectif 2.* Cartographie des données distributionnelles. Caractérisation des milieux et des paysages. Modélisation des probabilités de contamination, entre réservoirs et les populations humaines.

*Objectif 3.* Constitution de base de données épidémiologiques informatisées. Croisement des données de terrain avec les données SIG. Définition et standardisation d'une carte des risques.

### **Principaux résultats**

Les principaux résultats obtenus sont brièvement présentés. Particulièrement dans les domaines suivants :

- a) Biodiversité des Rongeurs Muridae sud-est asiatiques.
- b) Études cytogénétiques.
- c) Étude de gènes sous sélection, associés au système immunitaire
- d) Étude de gènes non associés au système immunitaire
- e) Recherche de virus pathogènes véhiculés par les rongeurs.
- f) Recherche de bactéries pathogènes véhiculés par les rongeurs.
- g) Études parasitologiques.

### **Conclusions**

Bilan et perspectives.

Bilan des publications

Ouverture de partenariats et nouveaux programmes, en Thaïlande et dans les pays voisins.

Enseignement et formations.

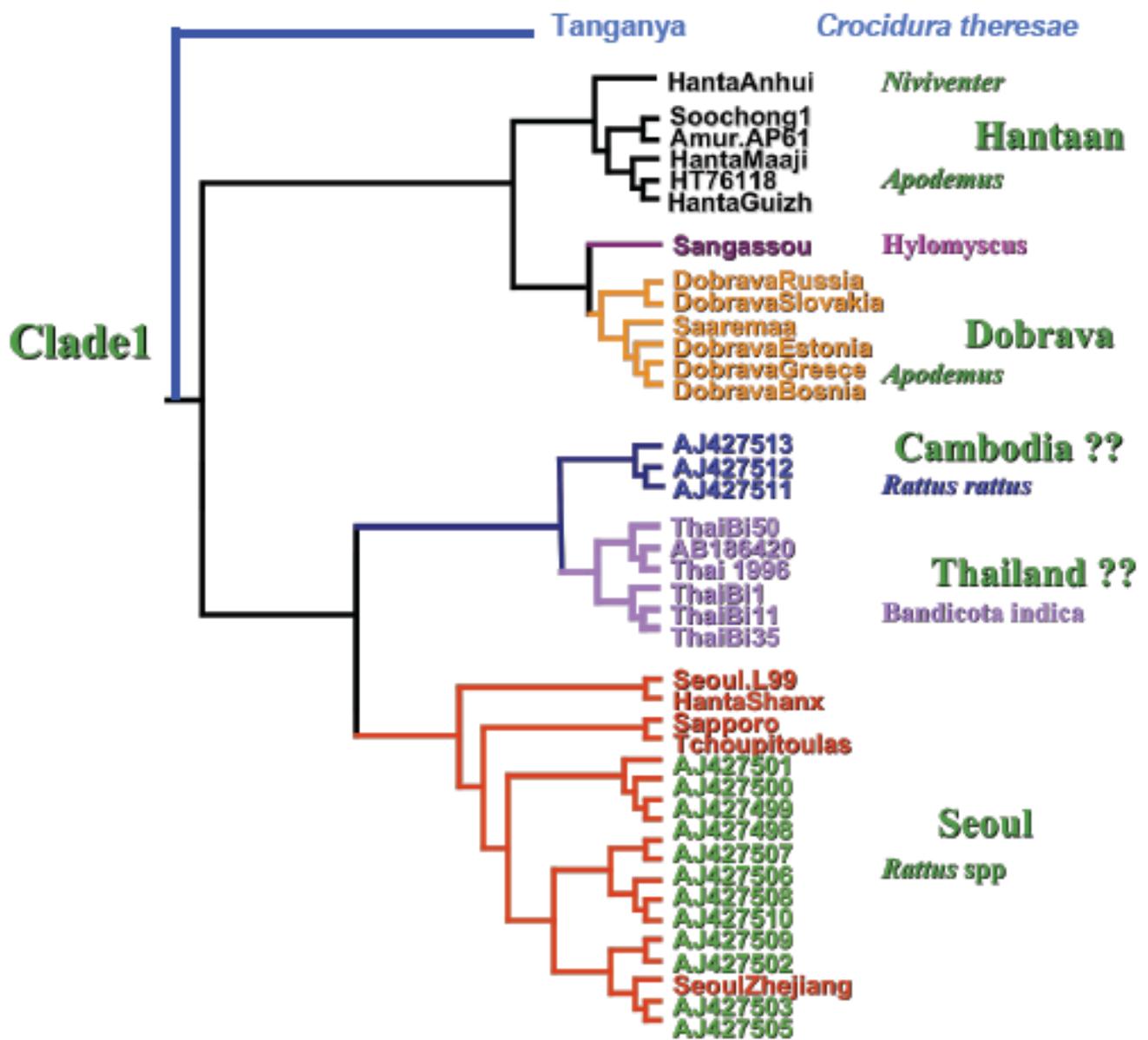
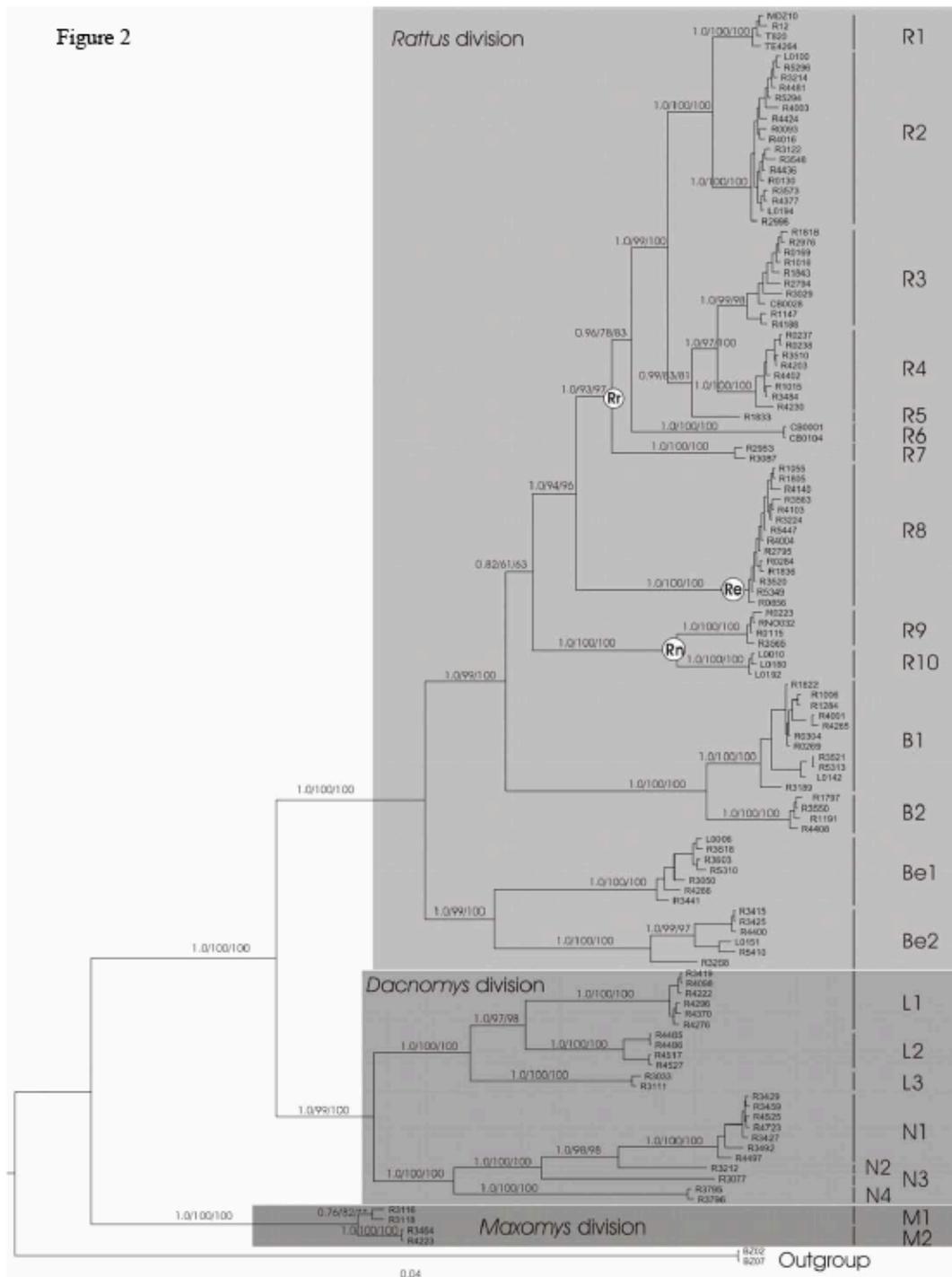


FIGURE 1. Detail of Clade-1 from a cladogram resulting of Bayesian analysis of 100 Hantavirus strains, using GTR+I+G model. Number at nodes are the posterior probabilities

**Figure 2:** Phylogenetic tree depicting relationships of the Indochinese Rattini based on the analyses of the combined cytb, COI and IRBP genes and reconstructed following Bayesian method.



# Leptospirosis: an emerging zoonose amplified by seasonal flooding



Mapping distributional data. Characterization of environmental landscapes. Modeling contamination probability, within and between potential reservoir species.

